

水稻和水稻枯萎病：新的研究起点

今年是农作物基因研究取得突破性进展的一年。继 2002 年 4 月 5 日出版的《科学》杂志报道印度亚种和日本亚种两个水稻品种的基因序列之后，2002 年 7 月 17 日，美国国家科学基金会宣布已经完成了 *Magnaporthe grisea* 的基因排序。*M. grisea* 是一种真菌，可引起水稻枯萎病。掌握宿主和其病原菌的完整基因序列，为科研人员提供了揭开病菌如何感染宿主以及作物任何抵御其侵害的机制的有力工具。

世界上有一半人口以大米为主粮。选择水稻进行基因排序是因为水稻在重要的经济作物中基因是最短的。从水稻基因排序获得的数据可用于其它作物 - 对有意于开发转基因作物的公司具有极大的价值（如孟山都 Monsanto 和瑞士农生化工公司 Syngenta）。水稻枯萎病每年导致的水稻减产可达 20%。选择此病为突破点，是因为它是侵害农作物的病原菌的典型。植物病害的 80% 以上是由霉菌感染造成的。北卡罗来纳州立大学真菌基因研究室主任，*M. grisea* 基因排序小组负责人 Ralph Dean 指出：“尽管这些基因序列是水稻和水稻枯萎病菌特有的，但是，解码这些基因序列为理解其它谷物及主粮作物中宿主 - 病原菌间相互作用方式提供了一个研究平台”。

由北京基因研究所带领的中国科研协助研究组发表了水稻印度亚种的基因排序。该水稻在中国及南亚地区广泛种植。Syngenta 则完成了水稻日本亚种的基因排序，该水稻在日本和北亚地区广泛种植。这三个研究组采用的都是染色体霰射排序法 (shotgun sequencing method)，即将 DNA 分成若干个片段进行解码，然后再利用生物信息计算机程序来推算各基因在染色体上的位置，最后组装并确定整个染色体的基本序列。

德克萨斯州 A&M 大学植物病理学和微生物学副教授 Daniel Ebbolte 认为，以计算机运算为基础的基因排列推算并不一定准确。为了检验由生物信息学得出的基因排列的准确性，Ebbolte 的实验室正在对表达蛋白质的显性水稻和水稻枯萎病基因进行测序。他们的研究是从由有机体分离出来的显性序列 RNA 入手，将其转换成有机

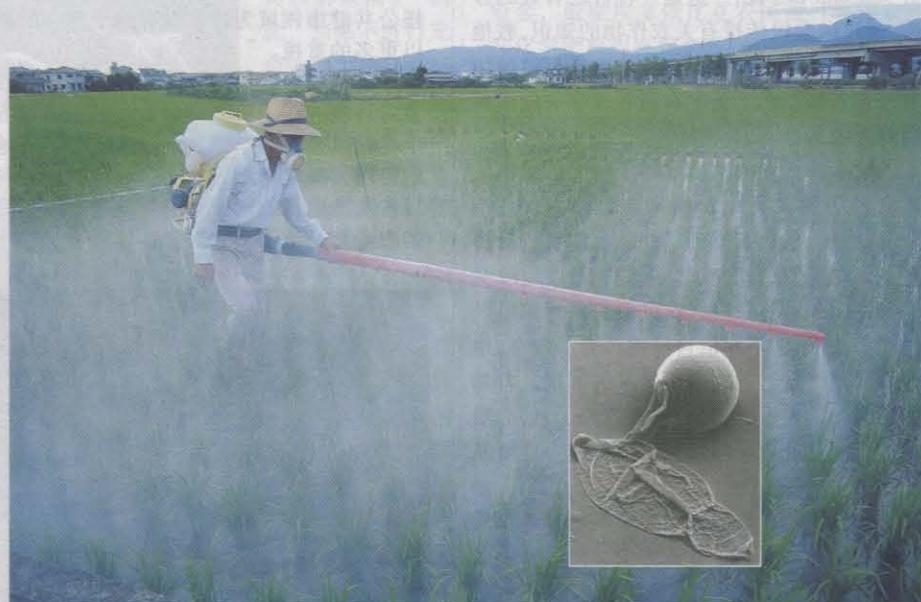
体的 DNA 序列。这种方法不对非显性基因排序，而霰射排序法则不分显性或非显性基因，对整个染色体排序。由于 RNA 会迅速降解，采用 Ebbolte 的方法完成整个基因的排序是不现实的，但它可以用来验证霰射法获得的基因序列的准确性。

中国方面已将水稻印度亚种的基因序列向公众免费公开 (<http://rgp.dna.affre.go.jp/cgi-bin/statusdb.seqcollab.pl>)。而 Syngenta 出于保护其商业专利的原因，对其日本亚种水稻的数据限制复制使用。这一做法招致了学术部门

能够将水稻日本亚种序列的 95% 在由 NIH 管理的公共数据库 GenBank 中公开 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/>)。

基因研究所取得的突破最终将给人类健康和环境带来长期的利益，包括减少杀真菌农药的使用以及开发出更具有针对性、毒性更低的化学药品。通过生物工程，可以强化水稻抵御病菌入侵的防御体系。基因研究数据还可用以依靠基因进行标志选种，改进传统的育种方法，并可通过基因工程解决那些原本无法解决的问题。

同时，防止水稻枯萎病还有几种安全



研究突破：完成水稻和水稻枯萎病菌（小图）的基本测序工作为研究工作者提供了前所未有的“工作平台”，对宿主和致病进行比较，有可能培育出更有效的抗病水稻品种。

的科研工作者的强烈抗议。他们认为已在科研刊物上发表过的数据不应该再保密。

然而，日本水稻亚种基因序列的大部分数据很快也将公开。国际水稻基因排序项目组，一个由 10 个国家组成的协助研究，也正在通过细菌人工染色体 (BAC) 库方法排列水稻日本亚种的基因序列。这一方法虽然更耗时，但更准确。细菌人工染色体库包含了全部有机体染色体的 DNA 片段，因此可以用来确定每个基因序列在染色体上的位置。相应，这也有助于确定每个基因的正确排列顺序。项目协调人希望，到 2002 年底，

而有效的方法；包括在种植季节提前播种、使用抗病品种、避免过量使用氮肥以及稻田适时灌水。总部设在菲律宾马尼拉的国际水稻研究所于 1997 年开始了一个研究项目，采用在同一稻田混合种植糯米和非糯米。用这一方法在中国云南省和其它地区消灭了水稻枯萎病。

- Mary Eubanks
译自 Environmental Health Perspectives
110: A740 (2002)